

Protein Alignment Summary Table (Vif)

Name(s)	Accession No.	Region	First Author	Reference
---------	---------------	--------	--------------	-----------

AGM VIF

AGMTYO	X07805	complete genome	Fukasawa, M.	<i>Nature</i> 333 , 457-461 (1988)
AGM155	M29975	complete genome	Johnson, P.R.	<i>J. Virol.</i> 64 , 1086-92 (1990)
AGM3	M30931	complete genome	Baier, M.	<i>Virology</i> 176 , 216-221 (1990)
SIVREV	L40990	complete genome	Hirsch, V.M.	<i>J. Virol.</i> 69 , 955-967 (1995)
AGM677	M66437	complete genome	Fomsgard, A.	<i>Virology</i> 182 , 397-402 (1991)
SABIC	U04005	complete genome	Jin, M.J.	<i>EMBO J.</i> 13 , 2935-2947 (1994)
SYK	L06042	complete genome	Hirsch, V.M.	<i>J. Virol.</i> 67 , 1517-28 (1993)

TANI	U58991	complete genome	Saars, M.A.	<i>Virology</i> 228 , 394-399 (1997)
------	--------	-----------------	-------------	---

VERVET.CON	Mnggkewwrvtkvyp?21lTKWCGIV-YWMr.kRnLk.w?YmHVOltwAMVTMSRYVlP?g?hg6IhvdlyWHlLtp6dgWlSTYAAGlQY?snv??k.yRTELDPaTAdemlH?hYFcfTeRaId?A				116
AGMTYO	-PN-----GD-----N-Y-----I-K-----V-L-ND-----N-K-----Q				127
AGM155	-S-H-L-QBEV-----N-----E-K-----T-K-D-K-R-----L-Q-S-QI-----L-RDPW-----G-L-T-----D-----RK				127
AGM3	-----E-----E-----Q-M-----C-I-I-LE-QI-----R-----I-----LGA-GN-.F-----G-L-L-S-----K				126
SIVREV	-----SGD-----K-----T-----Q-M-----N-----C-I-I-LE-QI-----R-----I-----LGA-GN-.F-----G-L-L-S-----K				126
GRIVET.CON	RR-Q-IV-V-R-SERQ-SR-R--T-KI-NKQ-P-E-RH-W-W-VQ-QFw-Y-QFI-LsKDDY-E-NI-HN-R-SHG-LS-Y.HOKG.-K-V-G-R-LY-N-N-D-Q				125
AGM677	RR-Q-IV-V-R-SERQ-SR-R--T-KI-NKQ-P-E-RH-W-W-VQ-QFw-Y-QFI-LsKDDY-E-NI-HN-R-SHG-LS-Y.HOKG.-K-V-G-R-LY-N-N-D-Q				125
SABAEUS.CON	---H-IV-PL--TGGOQR-TSL-K-H-HVSKOCVH-R-TP-TK-R-N-SYQEW-LKDQAL-K-TN-----K-E-T-G-.SKEG.WF-----W--HI-WS--P--D-V-Q				124
SABIC	---H-IV-PL--TGGOQR-TSL-K-H-HVSKOCVH-R-TP-TK-R-N-SYQEW-LKDQAL-K-TN-----K-E-T-G-.SKEG.WF-----W--HI-WS--P--D-V-Q				124
SYKES.CON	-----IVVP--RMTPRQ-DRL-H-IKTKKYSKE-EKAT-KH-----E-O--YCQWT--V-D-T-WITF-HN-A-R-HMOGIR-----OMNQMN-D-T-V-RL-NF--P--A-VNQ				123
SYK	-----IVVP--RMTPRQ-DRL-H-IKTKKYSKE-EKAT-KH-----E-O--YCQWT--V-D-T-WITF-HN-A-R-HMOGIR-----OMNQMN-D-T-V-RL-NF--P--A-VNQ				123
TANTALUS.CON	ER-L-L-T-L-R-SGEH-D-K-K-H-.N-.OD-T-L--CG-----C-FL-L-GE-K-V-C-----A-SF-E-W.ONT-K-VT-DV-H-----P--D--Q				126
TANI	ER-L-L-T-L-R-SGEH-D-K-K-H-.N-.OD-T-L--CG-----C-FL-L-GE-K-V-C-----A-SF-E-W.ONT-K-VT-DV-H-----P--D--Q				126
VERVET.CON	IkGPRFv.FCQPeGhK?..TGdYPSlOYlAlLAHQ...NG.lRERSGrgKrrr?rnlgSkOgav...GRMAK?Vr.....RSQsqsq?afw?r?PvP...SmELlSGgr?fcg?shdkgI\$				212
AGMTYO	-H-----S-----S-----K-----Y-T-----P-GEA-E-T-----K-WY-----				232
AGM155	-N-I-----G-L-----K-----T-----Q-XG-----N-OR-T--P-T-I-----GE-KT-S-I-----				232
AGM3	-L-Q-T-----K-----Q-----S-GGT-M-FE-----Y-----D--A-A-----G-KESH--AR--				232
SIVREV	I-E-----T-----K-----Q-----S-GGT-M-FE-----Y-----D--A-A-----G-KESH--AR--				231
GRIVET.CON	I-EKKT W-T-K-----Q-----L-----V-YT-----I-K-K-K-TF-MAG--R--M-----T-HAQ-----G-KRR-K-L-NEHAN-----CRGGKET				219
AGM677	I-EKKT W-T-K-----Q-----L-----V-YT-----I-K-K-K-TF-MAG--R--M-----T-HAQ-----G-KRR-K-L-NEHAN-----CRGGKET				219
SABAEUS.CON	I-EKYL.W-KHqV-QP-----RVYT-----RVAPT..S-GSSQ-P-ESGRBDT--RNMGFAQRAVRMAPRHVTGpQ-RGPV-L-KESPPS-VGYCGR-SH\$SWANQAGR				242
SABIC	I-EKYL.W-KHqV-QP-----RVYT-----RVAPT..S-GSSQ-P-ESGRBDT--RNMGFAQRAVRMAPRHVTGpQ-RGPV-L-KESPPS-VGYCGR-SH\$SWANQAGR				242
SYKES.CON	V-ELLTSH-WT---TD-----QVYL..KD-GGFlQ-LPACA-NTMV-H-KCR-DPRKDCCHKG--.....TGSDR-IQ--YSSRNIM..L-SILKR-GRD				221
SYK	V-ELLTSH-WT---TD-----QVYL..KD-GGFlQ-LPACA-NTMV-H-KCR-DPRKDCCHKG--.....TGSDR-IQ--YSSRNIM..L-SILKR-GRD				221
TANTALUS.CON	I-ES-L-W-TYK--VAENHW--R-F--TYTDFLR--R-K-F-GK--WV-----Q-----I-HGS-----T-TTP-E-T-L-----R-GEWGTN-R-----				238
TANI	I-ES-L-W-TYK--VAENHW--R-F--TYTDFLR--R-K-F-GK--WV-----Q-----I-HGS-----T-TTP-E-T-L-----R-GEWGTN-R-----				238